
表型组学技术：精准挖掘玉米抗旱基因

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14624.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

表型组学技术：精准挖掘玉米抗旱基因。





368份玉米关联群体表型实验，上图为正常灌溉，下图为干旱胁迫下。均由华中农大供图

随着测序技术普及和待测材料的规模化，传统的干旱表型性状获取手段已经不能满足植物抗逆基因组学的需求，严重阻碍玉米抗旱资源的挖掘。

近年来，以智能化、高通量、动态无损测量为主要特征的表型组学技术迅猛发展，使得多时空多尺度表型检测成为可能，可实现作物全生育期表型动态精准鉴定。

近日，《基因组生物学》在线发表了华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室和湖北省洪山实验室教授代明球与杨万能团队的最新研究成果。他们借助表型组学技术对玉米的干旱表型进行连续无损检测，获得了丰富的图像性状，构建了基因—表型关联网络，揭示了玉米抗旱的遗传基础以及潜在抗旱位点。这项工作被该杂志评选为亮点文章。

中国农业大学教授田丰认为，该研究提出了一种高通量玉米抗旱表型精准鉴定和抗旱基因挖掘新思路和新方法，为玉米抗旱遗传改良提供了新的基因资源和丰富的遗传宝库。

传统表型特征难以实现高通量检测

在世界范围内，玉米是重要的粮食作物、饲料和工业原料。

论文共同通讯作者杨万能告诉《中国科学报》，近年来，随着气候的变化无常、人口的不断增长、水资源逐渐紧缺，日益频繁的干旱已成为玉米减产的主要自然灾害之一，严重的干旱甚至会导致玉米颗粒无收，经济损失巨大。因此，如何有效地提高玉米的耐旱性、培育抗旱新品种是保障粮食安全的迫切需求。

干旱严重影响玉米生长和产量水平，是限制玉米生产发展的主要因素。田丰说，玉米的抗旱性是

多基因控制的复杂数量性状，传统的玉米干旱表型有株高、存活率、卷叶程度、叶片含水量等。

这些表型由于获取手段存在测量通量低、耗时费力、精度不高、破坏性等缺点，目前已经不能满足飞速发展的植物抗逆基因组学的需求，严重阻碍了玉米抗旱资源的挖掘。田丰指出。

不仅玉米如此，随着测序技术等基因组技术飞速发展，水稻、玉米、小麦等我国主要农作物测序已经完成，以水稻为代表的作物功能基因组研究已经进入高通量时代。

代明球告诉《中国科学报》，测序技术的普及以及待测材料的规模化带来一个新的问题——缺少高通量精准的表型组分析技术，所以作物表型组学应运而生。

作物表型组学是一门全面研究作物表型信息大规模高通量精准获取和分析技术方法的交叉学科。广义的作物表型组学研究对象不仅包括物理性状，也包括生理指标、生化特征、生长发育性状，以及新颖的图像数字性状等。

作物表型组技术可广泛应用于作物抗旱等非生物胁迫逆境研究，也可以应用于抗病等生物胁迫逆境、高产优质、营养高效利用等研究。代明球说。

自主研发数字化图像表型提取技术

研究人员利用华中农业大学高通量作物表型平台，结合高光谱、微型CT、RGB多光学成像技术对368份玉米自然群体材料，在多个生长时期、正常浇水和干旱胁迫下的玉米表型进行了连续无损检测。

论文共同第一作者、华中农业大学信息学院冯慧博士说，在这项研究中，他们自主研发了高光谱、微型CT、RGB多光学成像系统。

光谱成像的基本原理是光的散射和折射。作物内部各物质含量不一样，导致光谱相机接收到不同光谱波段下的图像信号不一样，以此反映作物体内各物质含量的差别。

在实际应用中，通过高光谱技术可无损提取作物叶绿素、水分等生理生化和抗旱相关的代谢物指标。研究人员自主研发的高光谱成像系统最高效率可达44秒/株。

CT成像的基本原理是高能粒子的穿透能力。作物不同器官组织对X射线吸收存在差异，以CT重建原理技术将作物内部不同器官组织的吸收差异重建出来。

在实际应用中可以无损检测作物内部结构及相应表型性状，比如茎壁厚、茎壁面积、维管束面积等茎秆内部表型性状。据悉，他们自主研发的高光谱CT成像系统最高效率可达5分钟/株。

RGB成像可以反映植物的大小、颜色、形态、纹理等信息，在实际应用中为面扫描模式。他们自主研发的RGB成像系统最高效率可达37秒/株。

在此基础上，研究人员还自主研发多光学图像批处理程序，分析并提取高光谱、CT、RGB图像性状。通过筛选，最终获得10080个与干旱胁迫相关的图像性状。

冯慧解释道，图像性状是指通过光学检测手段获得作物图像信息，并研发图像分析算法提取相应

的图像相关特征，使其数字化。比如玉米抗旱研究中用到的数字化生物量、数字化持绿、数字化卷叶、水分含量、可溶性糖等性状。

复杂数量性状遗传解析的典型范例

论文共同第一作者、华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室博士生伍玺介绍，通过筛选获得干旱胁迫相关的图像性状之后，他们利用全基因组关联分析鉴定到2318个与干旱胁迫相关的候选基因。

通过一系列筛选，最终选择2个未知抗旱功能的基因ZmcPGM2（参与糖代谢）和ZmFAB1A（参与磷酸肌醇代谢）来进行抗旱功能的验证。

它们参与植物关键的代谢通路，在植物抗逆应答过程中发挥重要作用。伍玺说。利用上述基因的突变体，他们发现在干旱胁迫下突变体相比于野生型有更好的存活率、更高的水分利用效率、更慢的叶片失水率以及更短的散粉—吐丝间隔期。

基于突变体的研究表明，ZmcPGM2和ZmFAB1A能够调控相应表型并负调控玉米抗旱。

值得注意的是，他们对比了前人的研究结果，总结了在玉米驯化和改良中受到选择的位点。

代明球介绍，他们鉴定到的玉米抗旱候选基因大都不在栽培玉米种中存在，这说明抗旱基因在玉米驯化和改良中没有受到选择。

他们猜测，育种家在选择玉米材料的过程中，往往追求高产，重点关注产量相关性状，忽略植物的抗逆性。而一般来说，产量和抗逆性是拮抗的。因此，在玉米驯化和改良的过程中，这些抗旱位点丢失了。未来可以利用这些丢失的位点来改良玉米的耐旱性。代明球说。

杨万能介绍，他们这套新方法从群体水平结合多种高通量光学表型手段，实现了高通量全生育期获取玉米表型，并筛选出干旱相关图像表型，再结合多组学（代谢组、转录组）数据及全基因组关联分析进行玉米抗旱候选基因的高效挖掘。

这项新技术再一次证明了结合高通量表型技术和全基因组关联分析，可精准高效解析复杂性状遗传机制。新技术有潜力推广应用于小麦、油菜等其他作物抗旱遗传育种研究。杨万能说。

田丰表示，该研究是表型组、基因组、代谢组、转录组等多维组学大数据整合的重要尝试，为复杂数量性状遗传解析和基因鉴定提供了典型范例。（来源：中国科学报李晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-021-02377-0>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：代明球等 来源：《基因组生物学》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发